

Autores: *Jorge Joel Nuvunga¹, Carlos Pereira da Silva², Luciano António de Oliveira³, Alessandra Querino da Silva⁴, Andrezza Kellen Alves Panplona⁵, Gabriel Cossa⁶ & Márcio Balestre⁷

1-UEM!!!XXXX ; 2-XXXX; 3-XXXX

Introdução: A avaliação de dados provenientes de ensaios multiambientes (MET) é muitas vezes feita a partir de modelos lineares-bilineares, oferecendo uma gama de possibilidades na análise da interação entre genótipos e ambientes (GE), sendo o de efeitos principais de genótipo mais efeito da interação (GGE) um dos mais difundidos. Uma opção a esses modelos para a análise de dados MET é a utilização do modelo Bayesiano aplicado ao GGE biplot.

Objectivo: Aplicar a abordagem Bayesiano ao modelo GGE considerando os diversos aspectos relacionados a esta análise.

Método: Os dados utilizados são provenientes de Oliveira et al. (2016) e correspondem à produtividade de 55 híbridos de milho em 9 ambientes. O delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados com três repetições. O modelo GGE proposto é dado da seguinte forma:

$$y = X_1\beta + \sum_{k=1}^p \lambda_k \text{diag}(Z\alpha_k) X_2\gamma_k + \varepsilon$$

Para a avaliação gráfica, com relação à adaptabilidade e estabilidade genotípicos, serão considerados apenas os dois primeiros eixos principais na representação biplot. A amostra foi obtida utilizando um amostrador de Gibbs. A convergência das cadeias foi monitorada pelos métodos de Raftery e Lewis (1992) e Heidelberger e Welch (1983), através do pacote BOA disponível no software R.

Resultados: Na análise GGE frequentista, os dois primeiros componentes PC1 e PC2 explicaram 57,98% do total do efeito do G+GE. Para o modelo GGE-Bayesiano verificou-se efeito de encolhimento em relação aos valores singulares quando comparado ao modelo tradicional (tabela 1), e a informação contida nos dois primeiros valores singulares explicam 67% do padrão da interação, evidenciando que o modelo Bayesiano reduz o ruído contido no padrão da parte multiplicativa do modelo.

Tabela 1: Média a posteriori (MP), desvio padrão (Sd), região de credibilidade (I.C. 95%, LI – Limite inferior, LS – Limite superior) e estimativa de mínimos quadrados (OLS) para valores singulares (λ).

Parâmetro	MP	Sd	LI	LS	OLS
λ_1	14,4286	0,6529	13,1511	15,6880	15,2471
λ_2	6,1552	0,7578	4,7017	7,6773	7,9687
λ_3	5,3594	0,6802	4,0145	6,6679	7,7909
λ_4	4,1985	0,8945	2,4342	5,7933	6,8740
λ_5	2,1103	1,1231	0,0031	3,8463	5,6920
λ_6	0,9562	0,7906	<0,0001	2,5396	5,4507
λ_7	0,4192	0,4431	<0,0001	1,3332	5,1155
λ_8	0,1888	0,2377	<0,0001	0,6894	3,1990

Resultados (cont): O Na Figura 1 estão representado os biplots para o modelo Bayesiano e frequentista, considerando apenas os dois primeiros eixos do modelo GGE (GGE2). Percebe-se, nitidamente, que o padrão biplot entre as duas representações é mantido, mostrando consistência entre as abordagens, apesar de um leve encolhimento referente a abordagem bayesiana.

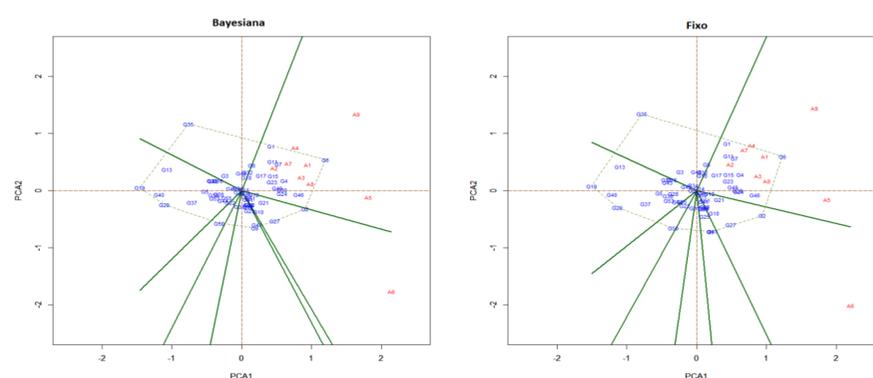


Figura 1 – Representação GGEbiplot para as abordagens bayesiana e frequentista (Fixo).

Conclusão: O método Bayesiano permite grande flexibilidade para incorporar inferência aos parâmetros do modelo, especialmente para os escores plotados no biplot, que tem apresentado grandes dificuldades para os métodos tradicionais frequentistas. A partir das regiões de credibilidade é possível separar grupos de genótipos com efeitos semelhantes em relação a produtividade e estabilidade. São necessários alguns cuidados para interpretar essas regiões, que são bem diferentes do modelo AMMI.

Palavras chave: GGE, Inferência Bayesiana, Estabilidade e Adaptabilidade

Referências:

Heidelberger, P.; Welch, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research, Landing, v. 31, n. 6, p. 1109-1144, 1983.

Oliveira, L. A., Silva, C. P., Nuvunga, J. J., da Silva, A. Q., & Balestre, M.. "Bayesian GGE biplot models applied to maize multi-environments trials." Genetics and molecular research: GMR 15.2 (2016).

Raftery, A.E., and S. Lewis. 1992. How many iterations in the Gibbs sampler? In: J.M. Bernardo, J.O. Berger, A.P.